NCBI

Nucleotide

| PubMed | Nucleotide | Protein | Genome | Structure | PopSet | Taxonomy | OMIM | Boo |

Go Clear

Search Nucleotide ▼ for

Limits   Preview/Index   History   Clipboard   Details

Display GenBank ▼ Save Text   Add to Clipboard

□ **1**: AJ243533. Mus musculus mRNA...[gi:6066584]

Related Sequences, Protein, PubMed, Taxonomy, LinkOut

```
LOCUS       MMU243533    5212 bp      mRNA            ROD        15-OCT-1999
DEFINITION  Mus musculus mRNA for GCN2 eIF2alpha kinase.
ACCESSION   AJ243533
VERSION     AJ243533.1  GI:6066584
KEYWORDS    GCN2 eIF2alpha kinase; GCN2 gene.
SOURCE      house mouse.
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5212)
  AUTHORS   Berlanga,J.J., Santoyo,J. and De Haro,C.
  TITLE     Characterization of a mammalian homolog of the GCN2 eukaryotic
            initiation factor 2alpha kinase
  JOURNAL   Eur. J. Biochem. 265 (2), 754-762 (1999)
  MEDLINE   99435990
REFERENCE   2  (bases 1 to 5212)
  AUTHORS   Berlanga,J.J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (30-JUN-1999) Berlanga J.J., Gene Expression, Centro de
            Biologia Molecular 'Severo Ochoa' (CSIC-UAM), Facultad de Ciencias,
            Universidad Autonoma de Madrid, Cantoblanco, Madrid, 28049, SPAIN
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..5212
                     /organism="Mus musculus"
                     /strain="Balb/C"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            93..5199
                     /gene="GCN2"
     CDS             93..5039
                     /gene="GCN2"
                     /function="translational control"
                     /codon_start=1
                     /product="GCN2 eIF2alpha kinase"
                     /protein_id="CAB58363.1"
                     /db_xref="GI:6066585"
                     /translation="MAGGRGASGRGRAEPQESYSQRQDHELQALEAIYGSDFQDLRPD
                     ARGRVREPPEINLVLYPQGLAGEEVYVQVELQVKCPPTYPDVVPEIELKNAKGLSNES
                     VNLLKSHLEELAKKQCGEVMIFELAHHVQSFLSEHNKPPPKSFHEEMLERQAQEKQQR
                     LLEARRKEEQEQREILHEIQRRKEEIKEEKKRKEMAKQERLEITSLTNQDYASKRDPA
                     GHRAAAILHGGSPDFVGNGKARTYSSGRSRRERQYSVCSGEPSPGSCDILHFSVGSPD
                     QLMVHKGRCVGSDEQLGKVVYNALETATGSFVLLHEWVLQWQKMGPCLTSQEKEKIDK
                     CKRQIQGAETEFSSLVKLSHPNIVRYFAMNSREEEDSIVIDILAEHVSGISLATHLSH
                     SGPVPAHQLRKYTAQLLAGLDYLHSNSVVHKVLSASSVLVDAEGTVKITDYSISKRLA
                     DICKEDVFEQARVRFSDSALPYKTGKKGDVWRLGLLLLSLSQGQECGEYPVTIPSDLP
                     ADFQDFLKKCVCLDDKERWSPQQLLKHSFINPQPKLPLVEQSPEDSGGQDYIETVIPS
                     NQLPSAAFFSETQKQFSRYFIEFEELQLLGKGAFGAVIKVQNKLDGCCYAVKRIPINP
                     ASRHFRRIKGEVTLLSRLHHENIVRYYNAWIERHERPAVPGTPPPDCTPQAQDSPATC
                     GKTSGDTEELGSVEAAAPPPILSSSVEWSTSAERSTSTRFPVTGQDSSSDEEDEDERD
                     GVFSQSFLPASDSDSDIIFDNEDENSKSQNQDEDCNQKDGSHEIEPSVTAEAVHYLYI
```

```
           QMEYCEKSTLRDTIDQGLFRDTSRLWRLFREILDGLAYIHEKGMIHRDLKPVNIFLDS
           DDHVKIGDFGLATDHLAFTAEGKQDDQAGDGVIKSDPSGHLTGMVGTALYVSPEVQGS
           TKSAYNQKVDLFSLGIIFFEMSYHPMVTASERIFVLNQLRDPTSPKFPDDFDDGEHTK
           QKSVISWLLNHDPAKRPTAMELLKSELLPPPQMEESELHEVLHHTLANIDGKAYRTMM
           SQIFCQHISPAIDYTYDSDILKGNFLIRTAKIQQLVCETIVRVFKRHGAVQLCTPLLL
           PRNRQIYEHNEAALFMDHSGMLVMLPFDLRVPFARYVARNNILNLKRYCIERVFRPRK
           LDRFHPKELLECAFDIVTSTTNSSLPTAETIYTIYEIIQEFPALQERNYSIYLNHTML
           LKAILLHCGIPEDKLSQVYVILYDAVTEKLTRREVEAKFCNLSLSSNSLCRLYKFIEQ
           KGDLQDLTPTINSLIKQKTGVAQLVKYSLKDLEDVVGLLKKLGVKLQVSINLGLVYKV
           QQHTGIIFQFLAFSKRRQRVVPEILAAGGRYDLLIPKFRGPQTVGPVPTAVGVSIAID
           KIFAVVLNMEEPVTVSSCDLLVVSVGQMSMSRAINLTQKLWTAGITAEIMYDWSQSQE
           ELQEYCRHHEITYVALVSDKEGSHVKVKSFEKERQTEKRVLESDLVDHVMQKLRTKVG
           DERNFRDASDNLAVQTLKGSFSNASGLFEIHGTTVVPNVIVLAPEKLSASTRRRHEIQ
           VQTRLQTTLANLHQKSSEIEILAVDLPKETILQFLSLEWDADEQAFNTTVKQLLSRLP
           KQRYLKLVCDEIYNIKVEKKVSVLFLYSYRDDYYRILF"
     polyA signal     5194..5199
                      /gene="GCN2"
BASE COUNT     1417 a    1304 c    1341 g    1150 t
ORIGIN
        1 cctcagctcg gtcacggcgc gggctggagc tcccctaccc accccagaat caacgctacc
       61 tcgtctaggc cgctgcgcct gccccggccg ccatggctgg gggccgcggg gcctctggac
      121 gcggccgggc tgagccacag gagagctatt cgcagcgaca ggaccacgag ctgcaggccc
      181 tggaggccat ttacggctcg gacttccagg atctgcggcc ggatgcgcgc ggacgggtga
      241 gagagcctcc tgaaatcaac ttagttcttt accctcaggg cctagctggt gaagaagtat
      301 acgtgcaagt ggaactgcag gttaaatgcc cgccaacata cccagatgta gttcccgaaa
      361 tagagttaaa aaatgctaaa ggcctgtcga atgaaagtgt taatttgtta aaatcacacc
      421 tggaagaact ggccaaaaag cagtgtggag aggtgatgat atttgaactg gcacaccatg
      481 tgcagtcgtt tctcagcgag cataacaagc ccccaccaaa gtctttccat gaagaaatgc
      541 tggaaaggca ggctcaggag aagcagcaga ggttgctgga ggccaggcgg aaggaggagc
      601 aggagcaacg tgaaatcctc cacgagattc agagaaggaa agaggagatc aaggaagaga
      661 agaaaaggaa ggaaatggct aagcaggaac gtttggaaat cactagcttg acaaaccagg
      721 actatgcctc taagagagac ccagcagggc acagggcagc tgccatcctc catggaggct
      781 ctcctgactt tgtaggaaat ggtaaagccc ggacatactc ctcaggaagg tccaggcgag
      841 aacgtcagta ttctgtgtgt agtggtgaac cctctcctgg ctcgtgtgac atcctccatt
      901 tctctgtggg tagccctgat cagctcatgg tgcacaaagg gagatgtgtt ggcagtgatg
      961 agcagctggg aaaggtggta tacaatgctt tggaaacagc cacgggcagc tttgtcttgc
     1021 tgcatgagtg ggtccttcag tggcagaaga tgggcccttg ccttaccagt caagagaaag
     1081 agaagattga caagtgcaaa aggcagattc aaggagcaga aacagaattc agctccctag
     1141 tgaaactgag ccatccaaat atcgtccgct actttgcgat gaactccaga gaggaggagg
     1201 actccattgt gatcgacatt ctggcagagc acgtcagtgg catctctctg gctacacacc
     1261 tgagccactc gggcccagtc cccgcccacc agctgcgcaa gtacacagcc cagctcctgg
     1321 caggcctgga ttacctacac agcaactccg tggtgcacaa ggttctgagc gcgtccagtg
     1381 tcttggtaga tgccgagggc actgtcaaga taacagacta cagcatctct aagcgtctgg
     1441 cagacatttg caaggaggat gtatttgagc aagctcgagt tcgtttttagt gacagtgccc
     1501 tgccttataa aacaggaaag aaagggggatg tgtggcggct cggcctcctg ctgttgtctc
     1561 tcagccaagg acaggagtgt ggggagtatc cggtgaccat ccccagtgac ctgccagctg
     1621 acttccaaga cttcctgaag aagtgtgtct gcctggacga caaggaaaga tggagccctc
     1681 agcagctgct gaaacacagc tttataaacc ctcaaccaaa gctgcctttg gtggagcaga
     1741 gtcctgaaga ctctgggggga caagactaca ttgagaccgt cattcccagc aaccagctgc
     1801 ccagcgctgc gttcttcagt gagacacaga aacagttctc ccggtacttc attgagtttg
     1861 aagaactaca actcctaggg aaaggagctt ttggagctgt catcaaggtg caaaacaagc
     1921 ttgatggctg ctgctatgct gtgaagcgca tccctatcaa ccctgcaagc agacacttcc
     1981 gccggatcaa gggcgaggtg acactgctat cgcgcctgca ccatgagaac attgtgcgct
     2041 actacaacgc ctggatcgag cggcatgagc gcccagcggt gccagggaca ccgcccccag
     2101 actgcacacc ccaggcccag gacagcccag ccacctgcgg gaaaacatcg ggcgacactg
     2161 aagaactggg cagcgtggag gctgcagcac cgccacccat cctcagcagc tcggtggagt
     2221 ggagcacatc tgcagagcgt tctaccagca cccgcttccc agtcacgggc caggattcca
     2281 gcagcgatga ggaggacgag gacgagcgcg atggcgtctt ctcccagtcc tttctacctg
     2341 cttcagattc tgacagtgac atcatctttg acaatgaaga tgaaaacagt aaaagtcaaa
     2401 atcaggatga agactgcaat caaaaggacg gtagccatga gattgagcct tcagtgacag
     2461 ctgaggctgt gcactacctt tatatccaga tggagtactg cgagaagagc acgctgcggg
     2521 acaccattga ccaggggctg ttccgagaca ccagccggct ctggaggctt ttccgagaga
     2581 ttctggatgg attagcttat atccatgaga aaggaatgat tcatcgcgac ttgaagcctg
     2641 tcaatatttt tttggattct gatgaccatg tgaaaatagg tgactttggc ctggcaacag
     2701 accatctggc cttcactgct gaaggtaaac aggacgacca ggcaggtgac ggagtgatta
```

11/5/01 3:05 PM

```
2761 agtcagaccc ttcaggccat ttgactggca tggttggtac tgctctgtat gtaagccctg
2821 aggtccaagg aagcaccaag tctgcataca accagaaagt ggatctcttc agcctgggaa
2881 ttatcttctt tgagatgtct tatcacccga tggtgactgc ctcagaaaga attttcgttc
2941 tcaaccaact tcgagatccc acatcgccca agtttccaga cgacttcgat gatggagaac
3001 atacaaagca gaaatctgtc atctcctggc tgttgaacca tgatccagct aaacggccca
3061 cggccatgga actgctcaag agtgagctgc tccccccgcc gcagatggag gagtccgagc
3121 tgcatgaagt gctgcaccac acgctggcca acatagatgg gaaggcctac cgcaccatga
3181 tgagtcagat cttctgccag cacatctccc ccgctataga ctacacctac gacagtgaca
3241 tcctgaaggg caacttcttg attcgtacag ccaagatcca gcagcttgta tgtgaaacca
3301 tcgtccgcgt ctttaaaagg catggcgctg tccagctgtg caccccactg ctgcttcccc
3361 gaaacaggca aatatatgag cacaacgaag cggctttgtt catggatcac agcggcatgc
3421 tggtgatgct tccgttcgac ctgcgggtcc cttttgcaag atatgtggca agaaataaca
3481 tactgaattt aaaacgatac tgcatagagc gggtgttcag acctcggaag ttagaccgat
3541 ttcatcccaa agaactcctg gaatgtgcat ttgatatcgt cacttctacc accaacagct
3601 ctctgcccac tgccgaaacc atctacacca tctatgaaat aatccaggag tttcctgcac
3661 ttcaggaaag gaattacagc atttacttga accatacgat gcttctgaag gcaatactcc
3721 tacactgtgg gatcccggag gacaagctca gccaagtcta cgtcattctg tatgatgctg
3781 tgacagagaa gctgactagg agagaagtgg aagctaaatt ctgtaacctg tccttgtctt
3841 ctaatagcct gtgtagactc tacaagttca tcgagcagaa gggggatttg caagacttaa
3901 cgccaaccat caactcacta ataaaacaga aaacaggcgt tgctcagttg gtgaagtata
3961 gcttaaaaga cctcgaggac gtcgtcgggc tgctgaagaa acttggtgtg aagttacagg
4021 tctccatcaa cctgggcttg gtctacaagg tgcagcagca cactggcatc atcttccagt
4081 tcctggcatt cagcaaacgc aggcagaggg ttgtgcctga gatccttgcc gctggtggca
4141 gatacgacct gctgattccc aagttcagag gcccacagac tgtggggcca gtccccactg
4201 ctgtcggtgt cagcatagcc atagacaaga tatttgctgt tgtcctcaac atggaagagc
4261 ctgttacagt gagctcctgt gacctcctgg ttgtcagtgt tggccagatg tccatgtcca
4321 gggccatcaa cctaacccag aaactgtgga cagcgggcat cactgcagaa atcatgtatg
4381 actggtccca gtcccaggaa gagttacaag agtactgcag acaccatgaa atcacctatg
4441 tggctctggt ctccgataaa gaaggaagcc atgtcaaggt caagtccttt gagaaggaga
4501 ggcaaacaga aaagcgtgta ttggaatcgg atcttgtgga tcacgttatg cagaaactaa
4561 gaaccaaagt tggtgacgaa agaaatttca gagacgcttc tgataatctt gccgtacaaa
4621 ctctgaaggg gtcgtttтct aatgcttcag gtttgtttga aatccatgga actacagtag
4681 tccccaacgt gattgttcta gcaccagaaa agctgtcagc cagcaccagg aggcgacatg
4741 agattcaggt gcaaacccga cttcagacta cacttgccaa cttacatcag aaaagcagtg
4801 aaattgaaat tttggctgtg gacctaccca aggaaacaat cttacagttt ctatcattag
4861 agtgggatgc tgatgaacag gcatttaaca caactgtgaa gcagctgctg tcacgcctgc
4921 caaagcaaag atacctcaaa ctcgtctgcg atgaaattta taacatcaaa gttgaaaaga
4981 aggtgtcagt gctgttcctg tacagctaca gagatgacta ctacagaatc ctattttgac
5041 cctaaagaac tgctgctgta ttgttcaaat ggacagggac ttatactgaa ataatggaat
5101 gttgtgcatt cattttaact ttaaattcta ataagctgtc ctacaaagct gagctttgtc
5161 gggttttcat gtataaattt acctttttga tataataaat gtttttcatag at
//
```

Revised: October 24, 2001.

```
Db   3602 TGATTCCCCAGTTAAGGGCCACAAGCCTCTCGGGGCCCAGTTCCCACTTGGGGTCA 3661
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4186 gcatagctatagacagatatctgctgtgtcctcaacatggaggaatctgttacaataa 4245
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   3662 GCATAGCTATAGACAGATATCTGCTGTGTCCTCAACATGGAGGAATCTGTTACAATAA 3721
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4246 gctcttgtgacctcctgtgttgtttgggtcagagtgtctatgtccaggcccatcaacc 4305
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   3722 GCTCTTGTGACCTCCTGGTTGTTAAGTGTTGGTCAGAGTGTCTATGTCCAGGGCCATCAACC 3781
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4306 taacccagaaactcctggacagcagcatcacacagcagaaatctacacggactggtcacagt 4365
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   3782 TAACCCAGAAACCTCTGGACAGCAGGCATCACACAGCAGAAATCATGTACGACTGGTCACAGT 3841
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4366 cccaagaggaattacacagacgatactgacactcatgaaatcacctattggccttgtct 4425
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   3842 CCCAAGAGGAATTACAAGAGTACTGACACATCATGAAATCACCTATTGGGCCCTTGTCT 3901
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4426 cggataaagaagaaggaagccatgtgtcaaggttaagtctttcgagaaggaaaggcagacagaga 4485
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   3902 CGGATAAAGAAGAAGGAAGCCATTGTCAAGGTTAAGTCTTTCGAGAAGGAAAGGCAGACAGAGA 3961
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4486 agcgtgtgctggaccaatggtactgactgcagaaactgagactaaagtca 4545
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   3962 AGCGTGTGCTGGACCAATGGTACTGAACTTGTGGGGACTTGAGGACTAAAGTCA 4021
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4546 ctgatgaaggaatggcagagcttccgataatctcagtgcaaaatctgaagggt 4605
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4022 CTGATGAAAGGAATGGCAGAGAAGCTTCCGATAAATCTTGCAGTGCAAAATCTGAAGGGGT 4081
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4606 cattttctaatgctcaagttgtttgaatccatggagcaacagtggttcccattgtga 4665
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4082 CATTTTCTAATGCTTCAAGGTTTGTTGAAATCCATGGAGCAACAGTGGTTCCCATTGTGA 4141
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4666 gtgtgctcagcccgagaagctgtcagcaactaggaggcgctatgaacctcaggtac 4725
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4142 GTGTGCTCAGCCCCGAGAAGCTGTCAGCACACTAGGAGGCGGCTATGAAAACTCAGGTAC 4201
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4726 aaaactcgacttcagacctcccttgccaacttacacatcaagaaaagcagtgaaattgaaattc 4785
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4202 AAAACTCGACTTCAGACCTCCCTTGCCAACTTACACATCAAGAAAAGCAGTGAAATTGAAATTC 4261
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4786 tggctgtggaatctacccaaagaaacaatattacagttttatcattaagagtgggatgctg 4845
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4262 TGGCTGTGGGATCTACCCAAAGAAACAATATTACAGTTTTATCATTAAGAGTGGGATGCTG 4321
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4846 atgaacaggcattaacacaactgtgaagcagtcgtcgtcacgcctgccaaagcaaagat 4905
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4322 ATGAACAGGCATTAAACAACTGTGAAGCAGTCGTCGTCACGCCTGCCAAAGCAAAGAT 4381
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4906 accccaaaattagtctgtgatgaaattttataacatcaaagtagaaaaaaggtgtctgtgc 4965
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4382 ACCTCAAAATTAGTCTGTGATGAAATTTTATAACATCAAAGTAGAAAAAAGGTGTCTGTGC 4441
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4966 tatttctgtcacagctatgagatgactactacagaatcttatttaaccctaaagaactg 5025
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4442 TATTTCTGTCACAGCTATGAGATGACTACTACAGAATCTTAATTTAAACCCTAAAGAACTG 4501
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5026 tcgttaacctcattcaaacacagaggagcttatactgaatatggaatgttgtactc 5085
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4502 TCGTTAACCTCCATTCAAACACAGACGAGCTTATACTGGAATAATGGAATGTTGTACATTC 4561
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5086 atcataattagtctgtgatgaaatttaaaatctaagagagggctgggtgtcagtggctcacacctttaatc 5145
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4562 ATCATAATTTAAAATTAAGAGAGAGGCTGGGTGGCTCACACCTTTAATC 4621
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5146 ccagacacttgggaggccaagcaggaggactgcttgaacccagggagttgagaccagcc 5205
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4622 CCAGCACTTGGGAGGCCAAGGCAGGAGGACTGCTTGAACCCAGGAGTTTGAGACCAGCC 4681
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5206 tgagcaacaagacagaccccatctctataaaaacctaagttgggcatggtgg 5265
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   4682 TGAGCAACAAAAGCAAGAGACCCCATCTCTATAAAAACTAAAAAAATTAGTTGGGCATGGTGG 4741
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5266 cacatgcctgtagtccccaagctactccagaggctgagatggcaatctgaggcctcaggagg 5325
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4742 CACATGCCTGTAGTCCCCAGCTACTCCAGAGGCTGAGATGGCAATCTGAGGCCTCAGGAGG 4801
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5326 ttgaggctgcagtgagccgatgcgcgccactgcactcccaggcgtctgggacacagagcaag 5385
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4802 TTGAGGCTGCAGTGAGCCGTGACGCGCCACTGCACTCCCAGGCGTCTGGGACACAGAGCAAG 4861
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5386 accctgtcttaaaaaaaaaaaaaaagaaaaaaaattctttcctaagagaagctgtcctacaaag 5445
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4862 ACCCTGTCTTAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAATTTTTTTCTAAGAAGCTGTCCTACAAAG 4921
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5446 ttgagctttgttagttttcatgtgtaatatatatttatcttttgggatataata 5505
Db        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4922 TTGAGCTTTGTTAGTTTTCATGTGTAATATATATTATCTTTTGGGATATAATA 4981
Qy        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   5506 aatgctttcatat 5518
Db        |||||||||||||

Db   4982 AATGCTTTCATAT 4994
```

RESULT 3

```
LOCUS       MMU243533      5212 bp    mRNA            ROD       15-OCT-1999
DEFINITION  Mus musculus mRNA for GCN2 eIF2alpha kinase.
ACCESSION   AJ243533
VERSION     AJ243533.1  GI:6066584
KEYWORDS    GCN2 eIF2alpha kinase; GCN2 gene.
SOURCE      house mouse.
ORGANISM    Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5212)
AUTHORS     Berlanga,J.J., Santoyo,J. and De Haro,C.
TITLE       Characterization of a mammalian homolog of the GCN2 eukaryotic
            initiation factor 2alpha kinase
JOURNAL     Eur. J. Biochem. 265 (2), 754-762 (1999)
MEDLINE     99435990
REFERENCE   2  (bases 1 to 5212)
AUTHORS     Berlanga,J.J.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (30-JUN-1999) Berlanga J.J., Gene Expression, Centro de
            Biologia Molecular 'Severo Ochoa', (CSIC-UAM), Facultad de Ciencias,
            Universidad Autonoma de Madrid, Cantoblanco, Madrid, 28049, SPAIN
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..5212
                     /organism="Mus musculus"
                     /strain="Balb/C"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            93..5199
                     /gene="GCN2"
     CDS             93..5039
                     /gene="GCN2"
                     /function="translational control"
                     /codon_start=1
                     /product="GCN2 eIF2alpha kinase"
                     /protein_id="CAB58363.1"
                     /db_xref="GI:6066585"
                     /translation="MAGGRGASGRGRAEPQESYSQRQDHELQALEAIYGSDFQDLRPD
                     ARGRVREPPEINLVLPQGLAGEEVYVQVELQVKCPPTPDVVPEIELKNKAGLSNES
                     VNLIKSHLEELAKKQCGEVMIFELAHHVOSFLSEHNKPPKSPEHEMLEROAOEKOOR
                     LLEARRKEEQEORILHEIQRRKEEIKEKKRKEMAKOERLEITSLTNODYASKRDPA
                     GHRAAAILHGGSPDEVGNGRARTYSSGRSRROYSVCSGEPSPGSCDILHPSVGSPD
                     QLMVHKGRCVGSDEQLGKVVNALETAGSFVLLHEWVLOWOKMGPCLTSOEREKIDK
                     CKROIQGAETEFSSLVKLSHPNIVRYFAMNSREEDSIVIDILAEHVSGISLATHLSH
                     SGPVPAHOLRKYTAOLLAGDYLHSNSVVHKVLSASSVLVDAEGTVKITDYSISKRLA
                     DICKEDVFEQOARVRFSDSALPYKTGKGDVWRLGLLLLSLSQOGEGEXPVTIPSDLP
                     ADFODFLKKKVCVCLDDKERWSPOOLLKHSFINPQKLPLVEQSPEDSGQOYIEFVIPS
                     NOLPSAAFFSETKOFSRYFIEFEELQLLGKGAFGAVIKVQNKLDGCCYAVKRIPINP
                     ASRHFRRIKGEVTLLSRLHHENIVRYYNAWIERHERPAVPGTWPPDCTPQAODSPATC
                     GKTSGDTEELGSVEAAAAPPILSSSVEWSTSAERSTSTRRPVTCODSSSDEEDEDERD
```

```
GVFSQSFLPASDSDSDIIFDNEDENSKSQNQDEDCNQKDGSHEIEPSVTAEAVHYLYI
QMEYCKSTLRDFIDDQGIFRDTSRLWRLFREILDGLAYIHEKGMIHRDLKPVNIFLDS
DDHVKIGDFGLATHDLAFTAEBDDDQADGDVIKSDPSGHLTGMVGTPALYLVSPEVQGS
TKSAYNQKVDLFSLGIIFFEMSYHPMWTASERIFVLNQLRDPTSPKFPDDPGEHHK
QKSVISWLLNHDPAKRPTAMELLKSELLPPQMEESELHEVLHHTLANIDGRAYRTMM
SQIFCOHISPAIDYTDSDILRFPAKIQQLVCETIVRVFKRHGAVQLCTPLLL
PRNQIYEHNEAALFMDHSGMLVMLPEDLRVPFARYVARNNILNLKRVCIERVFRPRK
LDRFHPKELLECAFDIVTSTINSSLPTAETIYIYEIIQEFFALQERNTSIVLNHTML
LKAILLHGGIPEDKLSQVVILVDAVTEKLTRREVEANKFCNLSLSSNSLCRLFKFIEQ
KGDLQDLPFPINSILKQKTGVAQLVKYSLKLEDVGLLKKLLGVRLQVSINGLGVYKV
KIFAVVLNMEEPVVSSCDLLVSVGQMSRAINLTQKLMTAGITAEIMYDMWSQSE
QOHPGIIFQFLAFSKRQRVPEILAAGGRYDLLIPKFRGPQTVGPVPFAVGVSIAID
ELQEYCRHHEITTYVALVSSKEGSHVKVKSFEKEROTEKRVLESDIVDHVMQKLRTKVG
DERNFRDASDNLAVQTLKGSFSNASGLFETHGTIVVPNVIVLAPEKLSASTRRRHEIQ
VQTRLQTTLANLHQKSSEIELLAVDLPKETILQFLSLEWDADEQAFNTVKQLLSRLP
KQRYLKLVCDEIYINIKVEKKVSVLFLYSYRDDYYRLLF"

polyA_signal
        /gene="GCN2"
        5194..5199
```

COUNT   1417 a   1304 c   1341 g   1150 t

est Local Similarity   70.8%;   Score 3909.8;   DB 94;   Length 5212;
atches 4366; Conservative 86.4%;   Pred. No. 0;   Mismatches 677;   Indels 10;   Gaps 4;
0;

```
Qy    57  gctgccaatggctcggggggcccgtggggcccccgggcgggggacgagcagctccggagagc  116
          ||||| ||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db    87  gccccccatggctcggggggcccgtgggggcccccgggctgagccacacaggagagc      146

Qy   117  taccgcaacgacgagagacaacacgctcagaggccccatctacggcgcgggacttc         176
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db   147  tattcccaggcgacagcagacccagagctgcaggcccctttacggctctcggacttc       206

Qy   177  caagacctgcgggcccggacgcgttcggcacggtcaaagagcccctgaaatcaattcagtt  236
          |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   207  caggacctgcgcgcccggagtgcgggggctcccgacaaatcaacttagtt             266

Qy   237  ttgtaccctccaaggcctaactgtggaagaagtatatgtaaaagtggattcgagggttaaa  296
          |||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   267  caggaccctctaggcctagctcggtgggtgagaagtatacgtgcaagtgcaggttaaa      326

Qy   297  tgcccacctacctacagatgtagttccctgaaatgaaatagaagtaaaaaaatgccaaagt  356
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   327  tgccgccaacatacccagatgtagttcccgaaatagagttaaaaaatgctaaaaggcctg   386

Qy   357  tcaaatgaaagtgtcaatttgttaaatctcgcctagaagaaactggccaagaaacactgt   416
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   387  TCGAATGAAAGTGTTAATTTGTTAAAATCACACCTGGAAGAACTGGCCAAAAAGCAGTGT     446

Qy   417  gggggaggtcgatgatctttgaactggcttaccacgtcagtcattctctcaggcgagcataac  476
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||| ||||
Db   447  GGAGAGGTGATGATATTTGAACTGGCCACACATGCCACCTCGTTTCTCAGCGAGCATAAC     506

Qy   477  aagcccctccccaagtctcttttctgaagagaaatgctgaaagtcaaggagaggagcag   536
          |||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   507  AAGCCCCCACCAAAGTCTTTCCATGAAGAAATGCTGGAAGGCTCAGGGAGAGCAG         566

Qy   537  cagaggctgttgggaggccaagacgcggaaagaagacaggagggagagagaacctgaacctccacgag  596
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   567  CAGAGGTTGCTGGGAGGCCCAGGCGGAGGAACGTCAGAAACTCCTCACGAG             626

Qy   597  attcagagaagagaagaagatgaagagagagaaaagaaggaaatgggctaagcag         656
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   627  ATTCAGAGAGGAAGAGAGGAGATCAGGAGAAAGGGGAAATGGCCTAAGCAG           686

Qy   657  gaacgtttggaaattgttggtcaaacccaagatcaccctctaagaaggaggaccaggga    716
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   687  GAACGTTTGGAAATCACTAGCTTGACAAACCAGGACTATGCCTCTTAAGAGAGACCCAGCA  746

Qy   717  ggacagaacggctgccattcacatggaggctcctccctgacttgttgaggaaatggttaaa  776
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   747  ...CCATGGAGGCTCTCCTGACTTGTGTAGGAAATGGTTAAA                     806
```

```
Qy   777  catcggggcaaactcctcaggaggaagagtctaggcgggaggaacgtcagtcagtatttctgtatgtaatagt  836
          ||| || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| ||
Db   807  GCCCGGACATACCTCCTCAGGAGGAAGAGGTTCCAGGAGAACGTCAGTATTCGTCGTGTGGTTAGTGGT       866

Qy   837  gaagattctcctggctcttgtgaaattctgtattccatggagaagaacgtcagcgtc         896
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   867  GAACCCTCTTCCTCTGGCTCGGTCGTGTGGACATCCCATTTCTCTGTGGGATAGCCCTGA  926

Qy   897  atggttgcacaaagggaaatgtattggcagcagtgatgaacaacttggaaattagtctacaat  956
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   927  ATGGTGCCACAAAGGGAAGGATGGTTGGCAGTGGATGAGCAGCTGGGAAAAGTGGGGTATPACAAT 986

Qy   957  gcttggaaacagacaactggtgggctttgtcttgttcttgtttgttcagtcagttgaa   1016
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   987  GCTTTGGAAACACCAACGGCCAGCTTTGCTTGTTCTTGCCTCCATGAGTGGGTTCCTTCAGTTCCAGT 1046

Qy  1017  aaaaaaatgggtccattcctccaccagtcaagaaaaagaagaggatttgcacaagtgcaaaagg  1076
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1047  --AAGATNGGGGCCCTTGCCTTACCAGTCAAGAAAAGAAGGAAGGATTGACAAGTGCAAAAGG      1103

Qy  1077  cagattcaaggagaacagaaacagaatccaactcactgtgtaaaatttgagcatccaaaatgta  1136
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1104  CAGANTTCAAGGAGGACAGAAACAGAATTCAGCTCCCTAGTGAAACAGATCATCCAAAAATATC 1163

Qy  1137  gtacgctaccttgcaaatgaatccaaagagacaagacgaactccatacgtcggttggacacttta  1196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1164  GTCCGGCTACTTTGCGATGAACTCCAGAGAGGAGGGACTCCATTGTGATCGGACATTCTG  1223

Qy  1197  gtggagcacattagtgggtctctcttgctgcacacctgagcacaactcaggcgcccaatcct   1256
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1224  GCAGAGCACGTCAGTGGCAATCCTCTGGCCTACACAGCCGCCAACCTCAGCGAGTCCCC       1283

Qy  1257  gtgcatcaagcttcgcaggtaccacagctcagctcgctccgtgtcaggggtttgattatctgcacagc  1316
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1284  GCCCACCACAGCTTGCCGAAGTACACAGCCCAGCTCCTGGAATTGGTGGATGGCCACT     1343

Qy  1317  aattctgttggtgcataaggtcctgagtgcatctaatgttcttgttggatggaggaggcaaac   1376
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1344  AACTCCGGTGGGTGGCACAAGGTTCGAGCGGGTCCCAGTGTCTTGGTAGATGCCGGAGGGCACT   1403

Qy  1377  gtcaagattacggactatagacattctttaagccttctgggggcctgcaagaaggatgtg  1436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1404  GTCAAGATNAAACAGACTACAAGCATCTCTAAAGCGTTGGCCAGACATTTGCCAAGGAGGATGTA  1463

Qy  1437  tttgagcaaaccgagttcgttcttagtgacaatgctctgccttataaaacgggggaagaa  1496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1464  TTTGAGCAAGCTCGAGTTCGGTTTTAGTGACAATGCCCTTATAAAACAGGAAAAGAA        1523

Qy  1497  ggagatgttggcgtcttggcctctctgtctgcctcccctcaagccaagcaaggaatgtgga  1556
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1524  GGGGAGNTGTGGCGGAAGTTGGGGCCCTCCTGCGTTGTCTCCAGCGGAGAGTGTGGG       1583

Qy  1557  gagtacctgtgacatcctgacttacacagagcagagtgactttcaaagatttctaaagaa  1616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1584  GAGTAACCGGTGACCATCCCCAGGTGACCTGCCAGCGTGACTTCCAAAGAAGTTCCTGAAGAAG 1643

Qy  1617  tgtgtgtgtcttgatgacaggggaaagagatgggaagtcccagctgttgttgaaacagacacaa  1676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1644  TGTGTCTGCCTGGACAACAAGGGAAAAGATNGGGAGTCCTGCTGAAACACAGCTTT        1703

Qy  1677  ataaatccccagcccaaaaatgcctctagtggaacaaagtcctgaagatttctgagggacaa   1736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1704  ATAAAACCCTCAACCAAAGCTGCCTTTGGGGAGCACAAGAGTCCTGGGGGACAA           1763

Qy  1737  gattatgttgagactgttatttcctagacaaccggctaccagttgctgccttcttagtgag  1796
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1764  GACTACANTTGAGACCGTCATTCCCAGCAACCAGCTGCCCAGGCTTCTTCAGTGAG         1823

Qy  1797  acacagagacagtttccgatacttcattcaggtttgaagtttgaagaattacaacttcttggtaaa  1856
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1824  ACACAGAAACAGTTCTCCGGTACTTCAATTGAGTTTGAAGAACTACAACTCCTAGGGAAA  1883
```

Top-left margin (rotated):
```
gaacy
687 GAACGTT'
717 ggacacagaac.
GGGCACAGGGCAGC.
`c`22 08:29:32 2001
```

Left column alignment:

```
Qy  1857  ggagcttttggagctgtgtcatcaagttgcagaacacaagttggacggctgctgctyacgcagtg  1916
          |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1884  GGAGCTTTTGGAGCTGTGTCATCAAGGTGCGAAAACAAGTTGATGGCTGCTATGCGTG  1943

Qy  1917  aagcggcatacccccatcaacccggccagccggcgagttccgcaggtggggcgaagtgaca  1976
          |||||| ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||| |||| ||||||||||
Db  1944  AAGGCCATCCCTATCAACCCTGCAAGCACAGACACTTCCGCCGGATCAAGGGCGGAGGTGACA  2003

Qy  1977  ctgctgtcaacggctgcaccatgagacacattgtcgctactacaacgcctggatcgaacggg  2036
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2004  CTGCTATCGCGCGCCTTGCACCATGAGACACATTGTCGCTACTACAACGCCTGGATCGAGCGG  2063

Qy  2037  cacgagcggcgggggaacgggggccgccgggggtgccaggacacaccgcccctggcccaaggat  2096
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2064  CATGGAGCGGCGGGGAACGGGGTGCCAGGACACACCGCCCCAGGAC  2123

Qy  2097  gacgaagctgcagcgcgcgggagcggagcggacgagcgtagaaggc  2156
          |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2124  AGCCCAGGACACCTGCGGGGAAAAACATCGGGGGACAACTGGGGCGGAGGCT  2183

Qy  2157  gccgccggccgccgccaccatcctcagccagcgctcaggtcggggcgaggcgctcg  2216
          |||||||||||||||||||||||||| ||||| ||||||||
Db  2184  GCAGCCACCGCCACCCATCCTCAGCGAGCTTGGGAGTGGAGCAGGGTTCT  2243

Qy  2217  gccaagtgccgtttcccgccacccgccccgggccgggagcgacgagcgacg  2276
          ||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||
Db  2244  ACCAGCACCGCTTCCCAGTTCAGGGGCCACAGGATCACCAACGCCTGGAGACGGCAG  2300

Qy  2277  gacggacacgtgggcgtcttctcccagtcctccctgccctgcttcaggaagtgat  2336
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2301  GACGAGCGGCGGATGAAGATGAAGTCAAAATCAGGATGAAGAGACTGCAAT  2360

Qy  2337  attatctttgacaatgaagatggagaatgcaatcaggaatgaggatgttgcaat  2396
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2361  ATCACTTTGACAATGAAGATGAAATCAGGATGAAGAAGAGACTGCAAT  2420

Qy  2397  gaaaagaatggctgccatgaaagtgagccatcagtgacgaggctgtgtcactacctg  2456
          |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db  2421  CAAAAGGACGGGTAGCCATGAGAATTGAGCCGTGACACTGTGCACTACCTT  2480

Qy  2457  tacatccagatgagtgtggagaagacactttacgagagaaccaatgaccaggggactg  2516
          |||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db  2481  TATATCCAGATGAGTGGGACTACGGGAAGGGAAGGTGCGCGGACACCAGGGGCTG  2540

Qy  2517  tatgagacacacgtcaagactctggaggcttttctcggagagaattctggatggattagcttat  2576
          ||||| |||||||| |||||||||| ||||| ||||||||||||
Db  2541  TTCCGAGACACCAGCCGGACTTTTCCGAGCTTGGAGAGAATTCGGGATGGATTAGCTTAT  2600

Qy  2577  atccatgagaaaagaatgattcaccgggatcttgaagcctgtcaacatcttttctttggattct  2636
          ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db  2601  ATCCATGAGAAAGAAATGATTCATCGGCACCGGTGTCAATATTTTTTGGAATTCT  2660

Qy  2637  gatgaccatgtgaaaataggtgatttttggcgacaacgaccatctagcctttctgct  2696
          |||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  2661  GATGAACCATGTGAAAATAGGTGAACTTTGGGCTGGGCCTTCACTGCT  2720

Qy  2697  gacacagcaaacaagacaagaacccttcaggtcac  2753
          ||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db  2721  GAAGGTAAACAGGACCAGGTGACGGAGTTAAGTCAGAAGCACCCTTCAGGCCAT  2780

Qy  2754  ttaactgggatggttcactgctcctctatgtaggagccaccaaa  2813
          |||| ||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||
Db  2781  TTGACTGGGACATGGTTGGTACTGCTCGTATGGAAGCACCAAG  2840

Qy  2814  tctgcatcaaccagagaaagtggatctcttcagcctggaatgtgcc  2873
          |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2841  TCTGCATACAACCAGAAAGTCGATCTCTTCAGCCTGGGAATATCTTCTTTGAGATGTCT  2900

Qy  2874  tatcaccccctggtcacggcttcacggaacactttgacaaagaattcaagagagatccc  2933
          |||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2901  TCTGCATACAAACCAGAAACTTGGATCTCTTCAGCCTGGAATATTCTTCTTTGAGAGTCCC  2960

Qy  2934  acttcgcctaagttccagagaagacttgacgatggagagagagcatgcaaagcagagaaatcaagtc  2993
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

Right column alignment:

```
Db  2961  ACATCGCCCAAGTTCCAGACGACTTCGATGATGGAGAACATACAAAGCGAAATCTGTC  3020
          ||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  2994  atctcctgctgttgaaccagtccagcaaaacggcccaacaagaacgactgctcaag  3053
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3021  ATCTCCTGCTGTTGAACCAGCAAAAGCGCCCACAGCAAGAACGACTGCTCAAG  3080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3054  agtgagctgctgccccccacccccgatgggaggagtcgatcaagagctgcatgtgctgcaccac  3113
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3081  AGTGAGCTGCTGCCCCCCGCAGATGGGAGGAGTCGCGATCAAGAGCTGCCACAC  3140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3114  acggctgaccaagtggatgggaaggcctaccgacacaatgatgcccagatctctgcgag  3173
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3141  ACGGCTGACCAACATAGATGGGAAGGCCTACCGACACCATGATGACTGAGATCTTCTGCCAG  3200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3174  cgcatctcccctgccatcgattacaacctatgacacgcacctgaacagcgaatcttaaaga  3233
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3201  CACATCCTCCCCGCCAACATTAGATGGTGCGTATTAGACTACAACTACGACCGAATCTTTA  3260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3234  atccgtacagcccaagatgcagcgacagcaatgtgttgtgaaacacatcttaaaga  3293
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3261  ATTCGTACAGCCCAAGATCCAGCAGCTTGTAGTTCATGGAAACAGTGACATCGTCCTTAAAGG  3320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3294  catggagctgttcagttgtgtactccacacctactgctgttgtgtgtgacagtgatag  3353
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3321  CATGGCGCTGTTCCAGCTGTTGTGCCACCACTGCTGCTTCCCGAAAACAGGGCAAAATATGAG  3380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3354  cacaacgaagctgccctattcatggacaacctatgacacgcggggaggtctgtgga  3413
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3381  CTGCGGGGTCTCCCTTTGCAAGATATGTGGCAAGAGAAATAACATGCTGGTGGTG  3440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3414  ctgcgggatcccttttggaggccgcgcaagttcaaggaagaaaatatataaaagaatac  3473
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3441  CTGGCGGTCTCCGTTTGCAAGATATCGGAAGAGAAATAACACTACGATAC  3500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3474  tgcatagaacgtgtgttcaggcgccggcaagttcagtcgatcggaaagaaacttctg  3533
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3501  TGCAAGAGACGGTGTTCAGCTGTTGTGCACCCCACTGCTGCTTCCCGAAAACTCCTG  3560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3534  gagtgtgcattgattgtgtcactctctaccacacccaagctgttctgccactgtgaaatt  3593
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3561  GAATCGCATTGAGATCGTCACTTCGTCACCTCGCCCACACTGCCGAAACC  3620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3594  atctcacactatctatgaaatcatccaagagttcaggaggaaaagaaattacagt  3653
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3621  AATCTACAACATCTATGGAAATCCACAACAGTTTCCTACAGTTGCTGGAAGTA  3680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3654  atttattgaaagcaacatcttacacactcttacacctgtgggatcccagaa  3713
          ||||| |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db  3681  ATTTACTTGAACCATCAATCTTGTGAAGCAAATACTCTACACTGTGGGATCCGGAG  3740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3714  gataaactcagtcaagtctacacatattctgtatatgatgtgacagagagagctgaagag  3773
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3741  GACAAGCTCAGCCAAGTCTACGTCAATTCGTGTATGATGTGACAGAAGAGGCTGACTAGG  3800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3774  agagaagtggaagctaaaattttgtaatctgtcttgtgtcttctataagtctgttgtgtcgactc  3833
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3801  AGAGAAGTGGAAGCTAAAATTTTGTAATTCTGTCTTCTCGTCTTGTGTGTGACTC  3860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3834  tacaagtttattgaacagaagggagatttgcaagatcttatgccaacaataattcatta  3893
          |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3861  TACAAGTTTCATGGAAGAAGGGGATTTTGCAAGATCTTAACGACAATCAAACTCACTA  3920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3894  ataaaacagaaaaacaccggtattgcacagttcgttggtgtaggcttaaaaaaaaccctgaggag  3953
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3921  ATAAAACAGAAAAACAGGCGTTGCTCAGTTGGTGTAAGCTTAAAAAAGACCTAGGGAC  3980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3954  gttgttggactgttgaagaaactcggcatcaagttctgatcaatttgggcttg  4013
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3981  GTCGTTGCGGGGCTGTGGAAGAAAACTTGGTGTGTGAAGAACTTGGGCTTG  4040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  4014  gtttacaaggtgcagcacaatggaatcattccagttctttggcttcatcaaacga  4073
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```